



TITLE:

4-1 ヒト・チンパンジー間における エピゲノム・バリエーションの網 羅的解析(X.共同利用研究 2.研究成 果)

AUTHOR(S):

一柳, 健司; 佐々木, 裕之; 新田, 洋久

CITATION:

一柳, 健司 ...[et al]. 4-1 ヒト・チンパンジー間におけるエピゲノム・バリエーションの網羅的解析(X.共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 2009, 39: 107-107

ISSUE DATE:

2009-09-10

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166695>

RIGHT:

ニホンザルのアカンボウは、生後まもないころからコンタクトコールを用いて他個体と関わり合うが、生後3ヵ月ごろまでに、毛づくろい交渉においてもこのような音声を用いるようになる。ニホンザルは、声の上げ下げや応答のタイミングを学習するといわれているが、文脈に適した音声使用についても学習することが示唆された。

3-2 発達障害児のコミュニケーションに療育が及ぼす効果の検討

田村綾菜（京都大・院・教育）

対応者：正高信男

本研究は、療育プログラムに参加する発達障害児を対象に、療育での経験を通して、他者とのコミュニケーションにどのような変化が現れるのかを検討することを目的としている。発達障害児の中には、特有の社会性のために、学校環境における人間関係の形成などに困難がある場合も多い。対象となる児童が参加する療育プログラムは、学習に困難を持つ児童を対象としたものであり、主な内容はパソコン課題などを用いた学習支援である。しかし、参加する児童にとっては、療育者やボランティアなどとのやりとりを通して、他者とのコミュニケーションの経験を積む貴重な機会ともなっている。そこでまず、今年度は、療育プログラムに参加している児童（小学2年生、男子5名）のコミュニケーション特性について把握するため、主に療育場面における療育者とのやりとりを観察した。また、コミュニケーション場面における言葉の理解を測る課題を実施した。その結果、コミュニケーション特性や言葉の理解には個人差が大きく、それぞれに応じたコミュニケーション支援の必要性が示唆された。今後、さらに対象者の数を増やし、縦断的にデータを蓄積・分析する予定である。

4-1 ヒト・チンパンジー間におけるエピゲノム・バリエーションの網羅的解析

一柳健司、佐々木裕之、新田洋久（国立遺伝学研究所）

対応者：平井啓久

ヒト・チンパンジーゲノム間の塩基配列の違いはわずか1%強であるが、表現型には大きな違いがある。本研究では、表現型や遺伝子発現と関連の深いDNAメチル化パターンにどの程度、どのような遺伝子で相違があるか、またそのようなエピジェネティックな相違とゲノム配列の相違（ジェネティックな相違）にはどのような関係があるのかを明らかにするため、チンパンジーおよ

びヒト白血球細胞のDNAを解析した。チンパンジー標本には4個体の雌（プチ、ペンディーサ、アイ、クロエ）の血液標本を用いた。ヒト血液標本は国立遺伝学研究所にて得た。これらの血液標本からゲノムDNAを調製し、抗メチル化シトシン抗体を用いて、メチル化DNA断片を免疫沈降した。免疫沈降サンプルをヒトゲノムタイリングアレイ（染色体21, 22番）で解析することにより、両染色体のDNAメチル化プロファイルを得た。ヒトおよびチンパンジーのプロファイルを比較して、種特異的にメチル化されている領域を200カ所近く同定した。今後はどのような場所にDNAメチル化度合いの差が生じやすいのか、またそのような差異によって表現型、遺伝子発現等の差が生じているのか解析して行く予定である。

4-2 霊長類における酸味受容体の同定と味覚修飾物質による酸味抑制機構の解明

石丸喜朗、秋場雅人（東京大・院・農学生命科学）

対応者：今井啓雄

研究者自身らが発見した酸味受容体候補PKD1L3/PKD2L1と甘味・うま味受容体T1Rファミリーのアカゲザル相同遺伝子の同定と、培養細胞発現系を用いた機能解析を行った。

前年度までに、PKD1L3のN末端細胞外領域がアカゲザル由来で、それ以降の領域がマウス由来であるキメラ体を発現ベクターpDisplayに挿入したコンストラクトを構築していた。このキメラ体PKD1L3をマウスPKD2L1と共にHEK293T細胞に発現させてカルシウムイメージング法による機能解析を行った。その結果、これまで報告されているマウスと同様に、25 mM クエン酸による酸刺激に対して応答した。アカゲザルPKD1L3の機能的なN末端細胞外領域を獲得できたと言える。また、味覚修飾物質クルクリゴ果実抽出物存在下でも酸刺激に対する応答が観察された。この実験結果から酸味抑制機構としては、アカゲザルPKD1L3のN末端細胞外領域以外の領域やPKD2L1に対して作用する可能性と、味覚受容体レベルではなく、味細胞や神経レベルで抑制される可能性が考えられる。

甘味・うま味受容体T1Rファミリーに関しては、前年度にRT-PCR法によって単離したT1R2に加えて、ゲノムDNAを鋳型とし、オーバーラッピングPCR法を用いて6個のエキソン領域を連結させてT1R1とT1R2のコード領域全長を獲得した。T1R3に関しては、依然としてC末端領域に相当するゲノム配列情報が不明の